

Облікова картка дисертації

I. Загальні відомості

Державний обліковий номер: 0824U003318

Особливі позначки: відкрита

Дата реєстрації: 04-11-2024

Статус: Запланована

Реквізити наказу МОН / наказу закладу:



II. Відомості про здобувача

Власне Прізвище Ім'я По-батькові:

1. Цяоянь Чень --

2. Chen Qiaoyan

Кваліфікація:

Ідентифікатор ORCID ID: Не застосовується

Вид дисертації: доктор філософії

Шифр наукової спеціальності: 201

Назва наукової спеціальності: Агрономія

Галузь / галузі знань: аграрні науки та продовольство

Освітньо-наукова програма зі спеціальності: 20 Аграрні науки та продовольство

Дата захисту: 11-07-2024

Спеціальність за освітою: Crop Genetic Breeding

Місце роботи здобувача:

Код за ЄДРПОУ:

Місцезнаходження:

Форма власності:

Сфера управління:

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

Сектор науки: Не застосовується

III. Відомості про дисертацію

Шифр спеціалізованої вченої ради (разової спеціалізованої вченої ради): 4543

Повне найменування юридичної особи: Сумський національний аграрний університет

Код за ЄДРПОУ: 04718013

Місцезнаходження: вул. Герасима Кондратьєва, буд. 160, Суми, Сумський р-н., 40021, Україна

Форма власності:

Сфера управління: Міністерство освіти і науки України

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

Сектор науки: Університетський

IV. Відомості про підприємство, установу, організацію, в якій було виконано дисертацію

Повне найменування юридичної особи: Сумський національний аграрний університет

Код за ЄДРПОУ: 04718013

Місцезнаходження: вул. Герасима Кондратьєва, буд. 160, Суми, Сумський р-н., 40021, Україна

Форма власності:

Сфера управління: Міністерство освіти і науки України

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

Сектор науки: Університетський

V. Відомості про дисертацію

Мова дисертації: Англійська

Коди тематичних рубрик: 68.35.03

Тема дисертації:

1. Селекційно - генетичні основи ознак колосу пшениці озимої
2. Breeding and genetic bases of winter wheat ear traits

Реферат:

1. Селекція пшениці є однією з ключових областей аграрних досліджень, спрямованих на забезпечення сталого виробництва продовольства в умовах глобальної зміни клімату та зростаючого населення планети. Пшениця озима займає значне місце у світовому виробництві зернових культур завдяки своїй високій урожайності та якісним характеристикам зерна. Одним з критичних аспектів, що впливають на продуктивність та адаптивність пшениці озимої, є ознаки колоса та врожайність. Дослідження, які спрямовані на розуміння селекційно-генетичних основ ознак колоса пшениці озимої дозволяють виявити генетичні механізми цих ознак і сприяють розробці нових сортів з покращеними характеристиками. В останні роки значних успіхів у цій галузі досягнуто завдяки застосуванню сучасних молекулярно-генетичних технологій, таких як маркерно-асоційована селекція (MAS) і високопродуктивне секвенування. MAS суттєво

прискорює і підвищує точність селекційного процесу за рахунок використання молекулярних маркерів, пов'язаних з бажаними ознаками, і її застосування в селекції пшениці озимої дозволяє ефективно відбирати рослини з оптимальними ознаками колоса, що в кінцевому результаті призводить до створення високопродуктивних і стресостійких сортів. Високопродуктивне секвенування («секвенування наступного покоління») дозволяє швидко і точно секвенувати великі кількості ДНК і РНК, вивчати геноми рослин, виявляти гени та молекулярні маркери, які пов'язані з важливими агрономічними ознаками колоса пшениці, і значно прискорювати процес селекції за рахунок точного і масштабного аналізу генетичних даних. У цьому дослідженні системно проаналізовано генетичні та селекційні основи ознак колоса пшениці озимої, таких як кількість зерен і маса 1000 зерен, із використанням маркерно-асоційованої селекції (MAS) і високопродуктивного секвенування для аналізу генетичної варіабельності та визначення молекулярних маркерів. Особлива увага приділяється ролі мікроРНК у регуляції розвитку зерна та деградомному секвенуванню (як одному з методів високопродуктивного секвенування) для пошуку генів, які є мішенню мікроРНК та анотації їхніх функцій. Вихідним матеріалом для досліджень стали сорти пшениці озимої Mexican Large Spike (MLS), Bainong 4199 (BN419) та популяція F2 (145 рослин), створена шляхом гібридизації Mexican Large Spike × Bainong 4199. Результати досліджень показали, що батьківські форми суттєво відрізнялися за ознаками колоса – за кількістю зерен у колосі та масою 1000 зерен, що відповідає принципу батьківського відбору при створенні популяції для картування QTL. Ознаки мали нормальний розподіл і двонаправлену сегрегацію, що вказує кількісне успадкування. За результатами кореляційного аналізу кількість колосків і маса 1000 зерен мали високозначущу позитивну кореляцію з коефіцієнтом кореляції 0,953. 143 пари поліморфних маркерів з чіткими відмінностями були перевірені на поліморфізм із використанням 300 пар праймерів SSR. Було генотиповано 143 пари поліморфних маркерів і побудовано генетичні карти для 145 окремих рослин популяції F2. Для побудови карти генетичного зчеплення було використано 145 локусів поліморфних маркерів SSR, які охоплювали 19 хромосом пшениці, загальною довжиною 3128,17 сМ. Середня відстань між маркерами становила 25,23 сМ, максимальна – 113,85 сМ, мінімальна – 3,57 сМ. Генетична щільність між деякими маркерами перевищувала 50 сМ, що обумовлено переважно малою щільністю молекулярних маркерів. Розподіл 145 поліморфних маркерних локусів за групами хромосом А, В і D був нерівномірним. 77 маркерних локусів були наявні в хромосомній групі А, 41 – у групі В, і лише 24 – у групі хромосом D, що становило 54,22%, 28,87% і 16,9% від загальної кількості маркерних локусів, відповідно. Маркери SSR мали найвищий поліморфізм у групі хромосом В та найнижчий поліморфізм групи хромосом D. Визначення та аналіз епістатичних локусів QTL для кількості зерен на колос та маси тисяч зерен показали, що було ідентифіковано дев'ять епістатичних локусів QTL, пов'язаних з кількістю зерен на колос та масою тисячі зерен, які були розподілені на хромосомах 1В, 2В, 2D, 3В і 6В, серед яких чотири асоційовані локуси QTL – на хромосомі 3В, два асоційованих локуси QTL – на хромосомі 6В. і по одному асоційованому локусу – на хромосомах 1В, 2В та 2D. Це дозволяє пояснити 4,922%–21,1044% фенотипних варіацій за ознакою кількості зерен на колос. QGNS~1В та QGNS~3В2 мали великі генетичні ефекти та були основними локусами, пояснюючи 21,1044% та 15,8886% фенотипічних варіацій. Один адитивний локус QTL, який контролював масу тисячі зерен, було виявлено на QTGW~3В, що пояснювало 11,4727% мінливості фенотипу. Значення ефекту для локусів QGNS~2В, QGNS~2D та QGNS~3В1 були менше за нуль, отже, генетичний ефект епістатичних локусів QTL, які належали до рекомбінантного типу, був більшим, ніж у епістатичних локусів QTL, які належали до батьківського типу, що пояснює 41,91% загальної фенотипічної мінливості.

2. Wheat breeding is one of the key areas of agricultural research aimed at ensuring sustainable food production in the face of global climate change and the growing world population. Winter wheat holds a significant place in global cereal production due to its high yield and grain quality characteristics. One of the critical aspects affecting the productivity and adaptability of winter wheat is the characteristics of the spike and yield. Research focused on understanding the breeding and genetic basis of spike traits in winter wheat allows the identification of genetic mechanisms governing these traits and facilitates the development of new varieties with improved characteristics. In recent years, significant progress in this field has been achieved through the application of modern molecular

genetic technologies, such as marker-assisted selection (MAS) and high-throughput sequencing. MAS significantly accelerates and improves the accuracy of the breeding process by utilizing molecular markers associated with desirable traits. Its application in winter wheat breeding allows for the effective selection of plants with optimal spike traits, ultimately leading to the creation of high-yielding and stress-resistant varieties. High-throughput sequencing («next-generation sequencing») enables the rapid and accurate sequencing of large amounts of DNA and RNA, the study of plant genomes, and the identification of genes and molecular markers associated with important agronomic traits of the wheat spike. This significantly accelerates the breeding process through precise and large-scale genetic data analysis. This study systematically analyzes the genetic and breeding basis of spike traits in winter wheat, such as the number of grains and the weight of 1000 grains, using marker-assisted selection (MAS) and high-throughput sequencing to analyze genetic variability and identify molecular markers. Special attention is given to the role of microRNAs in regulating grain development and degradome sequencing (as one of the methods of high-throughput sequencing) for identifying genes targeted by microRNAs and annotating their functions. For the research consisted of the winter wheat varieties Mexican Large Spike (MLS), Bainong 4199 (BN419), and an F2 population (145 plants) created by hybridizing Mexican Large Spike × Bainong 4199. The research results showed that the parent forms significantly differed in spike traits – the number of grains per spike and the weight of 1000 grains, which corresponds to the principle of parental selection when creating a population for QTL mapping. The traits exhibited a normal distribution and bidirectional segregation, indicating quantitative inheritance. According to the results of the correlation analysis, the number of spikes and the weight of 1000 grains had a highly significant positive correlation with a correlation coefficient of 0.953. A total of 143 pairs of polymorphic markers with distinct differences were tested for polymorphism using 300 pairs of SSR primers. The 143 pairs of polymorphic markers were genotyped, and genetic maps were constructed for the 145 individual plants of the F2 population. To construct the linkage map, 145 loci of polymorphic SSR markers were used, covering 19 wheat chromosomes, with a total length of 3128.17 cM. The average distance between markers was 25.23 cM, the maximum distance was 113.85 cM, and the minimum distance was 3.57 cM. The genetic density between some markers exceeded 50 cM, which was mainly due to the low density of molecular markers. The distribution of 145 polymorphic marker loci across chromosome groups A, B, and D was uneven. There were 77 marker loci present in chromosome group A, 41 in group B, and only 24 in group D, accounting for 54.22%, 28.87%, and 16.9% of the total number of marker loci, respectively. The SSR markers exhibited the highest polymorphism in chromosome group B and the lowest polymorphism in chromosome group D. Determination and analysis of epistatic QTL loci for number of grains per ear and thousand grain weight showed that nine epistatic QTL loci associated with number of grains per ear and thousand grain weight were identified, which were distributed on chromosomes 1B, 2B, 2D, 3B and 6B, including four associated QTL loci on chromosome 3B, two associated QTL loci on chromosome 6B, and one associated locus each on chromosomes 1B, 2B and 2D. This allows explaining 4.922%~21.1044% of phenotypic variation for the number of grains per ear. QGNS-1B and QGNS-3B2 had large genetic effects and were the main loci explaining 21.1044% and 15.8886% of phenotypic variation. One additive QTL locus controlling thousand grain weight was found at QTGW-3B, which explained 11.4727% of the phenotypic variation.

Державний реєстраційний номер ДіР: 0119U103779

Пріоритетний напрям розвитку науки і техніки: Науки про життя, нові технології профілактики та лікування найпоширеніших захворювань

Стратегічний пріоритетний напрям інноваційної діяльності: Не застосовується

Підсумки дослідження: Нове вирішення актуального наукового завдання

Публікації:

- Liuliu W., Yongang Y., Ye T., Halyna Zhatova, Puwen S., Dongxiao L., Yuanyuan G., Huanting G., Trotsenko Volodymyr, Qiaoyan C., Haiyan H., Chengwei L. Liuliu. A novel wheat α -amylase gene TaBMY1 reduces Cd accumulation in common wheat grains //Environmental and Experimental Botany, 2022. V. 203. 105050.

- Chen L., Ly Q., Yang W., Yang H., Chen, Q., Wang B., Lei Y., Xie Y. TaNBR1, a Novel Wheat NBR1-like Domain Gene Negatively Regulates Drought Stress Tolerance in Transgenic Arabidopsis. // International Journal of Molecular Sciences, 2022. V. 23 (4519). P. 1 – 16.
- Qiaoyan Chen, Kandyba Nataliya, Xingqi Ou, Xinhua Li, Wenhui Wei. Influence of the sowing period and denesityon yield and yield components of three semi – winter wheat varieties. // Селекція та насінництво, 2021. Вип. 120. С. 79 – 87.
- Qiaoyan Chen, Kandyba Nataliya, Xingqi Ou, Xinhua Li, Wenhui Wei. Effect of correlation analysis of date, planting density and main agronomic traits in winter wheat variety Bainong 207 // Bulletin of the Sumy National Agricultural University of Agronomy and Biology. Sumy, 2021. Issue. 23 (45). P. 71п77.
- Qiaoyan Chen, Kandyba Nataliya, Wenhui Wei. Effect of low temperature on growth and development of wheat and response mechanismю // Breeding and seed production. Kharkiv: Institute of Plant Breeding named after V. Ya. Yuriev of the Ukrainian Academy of Agrarian Sciences, 2020. Issue 118. P. 149 -153.

Наукова (науково-технічна) продукція: аналітичні матеріали

Соціально-економічна спрямованість: збільшення обсягів виробництва

Охоронні документи на ОПВ:

Впровадження результатів дисертації: Планується до впровадження

Зв'язок з науковими темами: The dissertation was completed as part of the scientific plan of research work at the Sumy National Agrarian University for 2019–2024, «Improving the elements of technologies for growing grain and cereal crops, taking into account the optimization of agrotechnical measures and agrobiological control of plant growth and development in the conditions of the northeastern Forest Steppe of Ukraine»

VI. Відомості про наукового керівника/керівників (консультанта)

Власне Прізвище Ім'я По-батькові:

1. Кандиба Наталія Миколаївна
2. Nataliia M. Kandyba

Кваліфікація: к. с.-г. н., доц., 06.01.05

Ідентифікатор ORCID ID: 0000-0001-6548-3670

Додаткова інформація:

Повне найменування юридичної особи: Сумський національний аграрний університет

Код за ЄДРПОУ: 04718013

Місцезнаходження: вул. Герасима Кондратьєва, буд. 160, Суми, Сумський р-н., 40021, Україна

Форма власності:

Сфера управління: Міністерство освіти і науки України

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

Сектор науки: Університетський

VII. Відомості про офіційних опонентів та рецензентів

Офіційні опоненти

Власне Прізвище Ім'я По-батькові:

1. Маренич Микола Миколайович
2. Mykola Marenych

Кваліфікація: д. с.-г. н., професор, 06.01.09**Ідентифікатор ORCID ID:** 0000-0002-8903-3807**Додаткова інформація:****Повне найменування юридичної особи:** Полтавський державний аграрний університет**Код за ЄДРПОУ:** 00493014**Місцезнаходження:** вул. Сквороди, буд. 1/3, Полтава, Полтавський р-н., 36003, Україна**Форма власності:** Державна**Сфера управління:** Міністерство освіти і науки України**Ідентифікатор ROR:** <https://ror.org/01s344n79>**Сектор науки:** Університетський**Власне Прізвище Ім'я По-батькові:**

1. Леонов Олег Юрійович
2. Oleh Y. Leonov

Кваліфікація: д. с.-г. н., старший науковий співробітник, 06.01.05**Ідентифікатор ORCID ID:** Не застосовується**Додаткова інформація:****Повне найменування юридичної особи:** Інститут рослинництва ім. В. Я. Юр'єва Національної академії аграрних наук України**Код за ЄДРПОУ:** 00497176**Місцезнаходження:** проспект Московський, буд. 142, Харків, Харківський р-н., 61060, Україна**Форма власності:** Державна**Сфера управління:** Національна академія аграрних наук України**Ідентифікатор ROR:****Сектор науки:** Академічний**Рецензенти****Власне Прізвище Ім'я По-батькові:**

1. Верещагін Ігор Володимирович
2. Ihor Vereshchahin

Кваліфікація: к. с.-г. н., доц., 06.01.05**Ідентифікатор ORCID ID:** 0000-0002-6589-5138

Додаткова інформація:

Повне найменування юридичної особи: Сумський національний аграрний університет

Код за ЄДРПОУ: 04718013

Місцезнаходження: вул. Герасима Кондратьєва, буд. 160, Суми, Сумський р-н., 40021, Україна

Форма власності:

Сфера управління: Міністерство освіти і науки України

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

Сектор науки: Університетський

Власне Прізвище Ім'я По-батькові:

1. Бутенко Андрій Олександрович

2. Andrii Butenko

Кваліфікація: к. с.-г. н., доц., 06.01.09

Ідентифікатор ORCID ID: 0000-0001-5431-3481

Додаткова інформація:

Повне найменування юридичної особи: Сумський національний аграрний університет

Код за ЄДРПОУ: 04718013

Місцезнаходження: вул. Герасима Кондратьєва, буд. 160, Суми, Сумський р-н., 40021, Україна

Форма власності:

Сфера управління: Міністерство освіти і науки України

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

Сектор науки: Університетський

VIII. Заключні відомості

**Власне Прізвище Ім'я По-батькові
голови ради**

Мельник Андрій Васильович

**Власне Прізвище Ім'я По-батькові
головуючого на засіданні**

Мельник Андрій Васильович

**Відповідальний за підготовку
облікових документів**

Веретейченко Ірина Анатоліївна

Реєстратор

УкрІНТЕІ

**Керівник відділу УкрІНТЕІ, що є
відповідальним за реєстрацію наукової
діяльності**



Юрченко Тетяна Анатоліївна